

Le séquençage du génome de deux trypanosomatides de plantes -“ *Phytomonas* spp. ””- au secours d’une taxonomie dépassée

M. Dollet^a, B. Noël^b, F. Denoeud^b, B. Porcel^b, N. Sturm^c, C. Marin^d, S. Fabre^e, P. Bastien^f, D. Campbell^c et P. Wincker^b

^aCirad, Campus de Baillarguet, TA A-98/F, 34398 Montpellier, Cedex 5, France; ^bGenoscope, (CEA) UMR 8030 CNRS, 2 rue Gaston Crémieux, 91057 Evry, France; ^cUCLA, Dept. Microbiol. & Mol. Biol., 609 Charles E. Young Drive East, Los Angeles, AK 90095-1489, USA; ^dFacultad de Ciencias, Departamento de Parasitologia, C/ Severo Ochoa s/n, 18071 Granada, Espagne; ^eCirad, TA A-98/Ird, 34398 Montpellier, Cedex 5, France; ^fCNRS/Université Montpellier 1, Lab Parasitologie-Mycologie, 16 rue A. Broussonet, 34090 Montpellier, France
michel.dollet@cirad.fr

Plusieurs espèces de plantes laticifères sont parasitées au niveau des tubes laticifères, par des Trypanosomatidae. La question de leur pouvoir pathogène reste ouverte. Un nom de genre leur a été attribué arbitrairement: “ *Phytomonas*”, uniquement basé sur la nature de l’hôte. Or il a été montré que ces organismes se multipliaient dans les insectes qui les transmettaient. De plus, depuis les années 80, on sait que d’autres trypanosomatidés, jusque là considérés comme des “ trypanosomatidés monoxéniques d’insectes ”” (Crithidia, Herpetomonas, Leptomonas) peuvent être transmis par hétéroptères à des fruits de diverses familles, dont les solanacées (tomate). En Amérique latine et dans la Caraïbe, il existe des trypanosomatidés intraphloémiques spécifiquement associés à des dépérissements de palmiers (cocotier, palmier à huile, Arecaceae), de cultures horticoles (*Alpinia purpurata*, Zingiberaceae) et du caféier (Rubiaceae). Le genre arbitraire *Phytomonas* ne reflète donc pas la diversité des trypanosomatidés se multipliant dans des milieux aussi différents que le latex, la sève, la pulpe des fruits ou des graines, sur différents continents, et ne fait pas de différence entre les organismes pathogènes responsables de maladies aux graves conséquences économiques et ceux qui s’apparentent à des symbiontes. Nous avons travaillé à la caractérisation de ces trypanosomatidés en utilisant divers marqueurs moléculaires comme le gène du Splice Leader RNA, l’ARN r 5S, les minicercles d’ADN kinetoplastique et les ITS de l’opéron ribosomal. En tenant compte de ces résultats, en les associant aux données sérologiques et des isoenzymes et RAPD, nous pouvons conclure à l’existence de 10 “groupes” différents. Parmi ces groupes certains se démarquent très nettement. C’est le cas des trypanosomatidés intraphloémiques (“ groupe H ””). Par leur localisation (tubes criblés du phloème), leur effet pathogène, leur endémisme en Amérique latine, leur culture *in vitro*, qui contrairement aux autres ne peut se réaliser qu’avec des cellules nourricières d’insectes, et les marqueurs moléculaires, ils sont uniques. Un autre groupe se distingue : “ D ””, comprenant des isolats du latex de l’Ancien Monde (Inde, Sénégal et France). L’étude des caryotypes moléculaires d’un isolat de chacun de ces deux groupes (EM1 d’*Euphorbia pinea* de France et Hart1 associé au dépérissement du cocotier en Guyane) révèle bien deux organismes différents avec respectivement 21 chromosomes et 7 chromosomes hétérologues. L’ensemble de ces résultats ainsi que d’autres données conduisent à dire qu’il serait nécessaire de réviser la taxonomie des trypanosomatidés de plantes/insectes. Pour étayer cette présomption, le génome de deux isolats, un isolat du latex (EM1) et un du phloème (Hart1), a été séquencé au Génoscope. Les premiers résultats montrant les différences entre ces deux groupes de trypanosomatidés seront présentés. Ils permettront de fournir des clés pour établir une nouvelle taxonomie, mais aussi d’identifier de possibles nouvelles méthodes de lutte. Projet ANR -08- GENM-020-001 SEQTRYPLANT.